

\$ dir *.tan
No files found
\$

MOLV-RT vs Tag polymerase

GAP of: Molvrtpro.Uw check: 5951 from: 1 to: 664

; molvrt.pro = Murine MoLV Rev. Transcriptase nts 2598-4589
; Translated from file MOLV.SEQ on 20-Jun-90 at 01:03 PM
; Edited on 20-Jun-90
; File written by program SEQ on 20-Jun-90 at 01:33 PM

to: 6taqpolpro.Uw check: 7408 from: 1 to: 832

Symbol comparison table: Gencoredisk:[Gcgcore.Data.Rundata]Nwsgappep.Cmp
CompCheck: 1254

Gap Weight: 3.000 Average Match: 0.540
Length Weight: 0.100 Average Mismatch: -0.396

Quality: 220.3 Length: 849
Ratio: 0.332 Gaps: 29
Percent Similarity: 43.277 Percent Identity: 20.247

Average quality based on 10 randomizations: 223.2 +/- 4.1

Molvrtpro.Uw x 6taqpolpro.Uw January 6, 1992 12:00 ..

```
1 .....TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTWLSDFPQAWAETGG 38
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1 MRGMLFLFEPKGRVLLVDGHHLAYRTFHALKGLTTSRGEPVQAVYGFAXS 50
39 MGLAVRQ..APLIIPKATSTPVSIIQYPMSEARLGIIKPHIQRLLDQGI 86
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
51 LLKALKEDGDAVIVVFDKAPSRHEAYGGYKAGRAFTPEDFFROLALIK 100
87 LVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNRVED.....IHPTVP 130
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
101 EL.....VDLLGLARLEVPGYEADVLASLAKKAEKEGYEVRILTADK 143
131 NPYNLLSGLPFSHQWYTVLDLKDAPFC...LRLHPTSQPLFAFEWRDPEM 177
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
144 DLYQLLS.....DRIHVLHPEGYLITPAWLWEKYGLRPGQWADYRALTG 187
178 GISGQLTWTRLPQGFKNSTPLFDE.....ALHRDLADFRIQHPDLILLQY 222
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
188 DESDNLPQVK.GIGEKTARKLLEEWSLEALLKNLDRLKPAIREKILAH. 235
223 VDDLILA.....ATSELDCCQGGTR.....ALLQTL 247
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
236 MDDLKLSWDLAKVRTDLPLEVDFAKRREPDRERLRAFLEERLEFGSLLHEF 285
248 GNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGILL..KEGQR..WLTEARKETVMGQPT 293
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
286 GLLESPKALEEAPWPPPEGAFVGVLSRKEPMWADLLALAAARGGRVHRA 335
294 PKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPGFAEMAAPLYPLTKTGTLFNWGPQQKA 343
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
336 PEPYKALRDLKEARGLLAKDLSVLALREGLGLPPGDDPMLLAYLLDPSNT 385
344 YQEIK....QALLTAPALGLPDLTKPF.....ELFVDEKQGYAKGVLTQ 383
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
386 TPEGVARRYGGEWTEEAGERAAALSERLFANLWGRLEGEERLLWLYREVER 435
```

```

436 FLSAVLAHMEATGVRLD.VAYLRALSLEVAEEIARLEAEVFRLA.GHPFN 483
433 .....VILAPHAVEALVK..QPPDRWLSNARMTHY.QALLDTRV 470
484 LNSRDQLERVLFDELGLPAIGKTEKTGKRSTSAAVLEALREAHPIVEKIL 533
471 QFGPVVALNPATLLPLPE.....EGLQHNCLDILAEAHG....TRPDLT 511
534 QYRELTKLKSTYIDPLPDLIHPRTGRLHTRFNQTATATGRLSSSDPNLQ 583
512 QPLPDA.....DHTWYTDGSSLL.....QEGQRKAGAAVTTETEVIWAKA 551
584 IPVRTPLGQRIRRAFIAGEGWLLVALDYSQIELRVLAHLSGDENLIRVFQ 633
552 LPAGTSAGRAELI.....ALTOALKMAE.....GKKLNVYTD 583
634 EGRDIHTETASWMFGVPREAVDPLMRRAAKTINFGVLYGMSAHRLSQELA 683
584 SRYAFATAHIHG.....EIYRRRGL.....L 604
684 IPYEEAQAFIERYFQSFPKVRWIEKTLEEGRRRGYVETLFGRRRYVPDL 733
605 TSEGKEIKNKDEILAL.....LKALFLPKRLSIIHCPGH..... 638
734 EARVKSUREAAERMAFNMPVQGTAAADLMKLAHVKLFPRLLEMGARMMLLOV 783
639 GKQHSAAEARGNRMADQAARKAAITET..... 664
784 HDELVLLEAPKERAEAVARLAKEVMGCVYPLAVPLEVEVGIGEDWLSAKE 832

```

\$ dir *

MAIL>

molvrt.pro = Murine MoLV Rev. Transcriptase nts 2598-4589
Sequence: MOLVRT.PRO Length: 664
Listed from position 1 to position 664

```
1 TLNIEDEHRL HETSKEPDVS LGSTWLSDFP QAWAETGGMG LAVRQAPLII FLKATSTPVS
61 IKQYPMSQEA RLGKPHIQR LLDQGILVPC QSPWNTPLLP VKKPGTNDYR PVQDLREVNK
121 RVEDIHPTVP NPYNLLSGLP PSHQWYTVLD LKDAFFCLRL HPTSQPLFAF EWRDPFMGIS
181 GQLTWTRLPO GFKNSPTLFD EALHRDLADF RIQHPDLILL QYVDDLLLA TSELDCCQGT
241 RALLQTLGNL GYRASAKKAO ICQKQVKYLG YLLKEGQRWL TEARKETVMG QPTPKTPROL
301 REFLGTAGFC RLWIFGFAEM AAPLYPLTKT GTLFNWGPDQ QKAYQEIQA LLTAPALGLP
361 DLTKPFELFV DEKQGYAKGV LTQKLGPNRR PVAYLSKKLD PVAAGWPPCL RMVAAIAVLT
421 KDAGKLTMGQ PLVILAPHAV EALVKQFPDR WLSNARMTHY QALLLDTDYR QFGPVVALNP
481 ATLLPLPEEG LQHNCLDILA EAHGTRPDLT DQFLPDADHT WYTDGSSLLQ EGQRKAGAAV
541 TTETEVIWAK ALPAGTSAQR AELIALQAL KMAEGKKLVN YTDSDRYAFAT AHIHGEIYRR
601 RGLLTSEGKE IKNKDEILAL LKALFLPKRL SIIHCPGHOK GHSAEARGNR MADQAARKAA
661 ITET
```

Comments

Translated from file MOLV.SEQ on 20-Jun-90 at 01:03 PM
Edited on 20-Jun-90
File written by program SEQ on 20-Jun-90 at 01:33 PM

SEQ command: sta

ROUTINE TO CALCULATE SEQUENCE COMPOSITION

Do you want to use the whole sequence ? y

molvrt.pro = Murine MoLV Rev. Transcriptase nts 2598-4589
Sequence: MOLVRT.PRO Length: 664 amino acids.
Searched from position 1 to position 664
Total # amino acids searched: 664

SEQ command:

ISOELECTRIC of: molvrtpro.uw Check: 5951 from: 1 to: 664 January 6, 1992 11:46

; molvrt.pro = Murine MoLV Rev. Transcriptase nts 2598-4589
; Translated from file MOLV.SEQ on 20-Jun-90 at 01:03 PM
; Edited on 20-Jun-90
; File written by program SEQ on 20-Jun-90 at 01:33 PM

Amino Acid	Number of Residues
Arginine	36
Lysine	40
Histidine	18
Tyrosine	17
Cysteine	8
Glutamic Acid	35
Aspartic Acid	34

Taq polymerase vs E. coli pol I
w check: 7408 from: 1 to: 832

to: Ecopolapro.Uw check: 3547 from: 1 to: 928

C:Species: *Escherichia coli*

R;Joyce, C.M., Kelley, W.S., and Grindley, N.D.F.

J. Biol. Chem. 257, 1958-1964, 1982 (Strain K12, sequence translated from the nucleotide sequence) . . .

Symbol comparison table: Gencoredisk:[Gcgcore.Data.Rundata]Nwsgappep.Cmp
CompCheck: 1254

Gap Weight:	3.000	Average Match:	0.540
Length Weight:	0.100	Average Mismatch:	-0.396

Quality: 609.1 Length: 938
Ratio: 0.732 Gaps: 17
Percent Similarity: 62.165 Percent Identity: 42.579

Average quality based on 10 randomizations: 277.0 +/- 5.7

6tagpolpro.Uw x Ecopolapro.Uw January 6, 1992 14:22 ..

[illegible]

```

364 GLG.....LPPGDDPMLLAY.....DPSNTTPEGVARRYGGEW.....
443 MLESYILNSVAGRHDMDSLAERWLKHKTITFEEIAGKGKNQLTFNQIALE 492
401 EAG....ERAALSERLFANLWGRLEGEERLLWLRYREVERPLSAVLAHMEA 446
493 EAGRYAAEDADVTLQLHLKMWFDLQKHKGPLNVFENIEMPLVPVLSRIER 542
447 TGVRLDVAYLRALSLEVAEEIARLEAEVFRLAGHPFNLNSRDQLERVLFD 496
543 NGVKIDPKVLHNHSEELTLRLAELEKKAHEIAGEEFNLSSTKQLQILFE 592
497 ELGLPAIGKTEKTGKRSTSAAVLEALREAHPIVEKILQYRELTKLKSTYI 546
593 KQGIKPLKKT.PGGAPSTSEEVLEELALDYPLPKVILEYRGLAKLKSTYT 641
547 DFLPDLIHPRTGRLHTRFNQTATATGRLSSSDPNLQNIPIVRTPLGQRIRR 596
642 DKLPLMINPKTGRVHTSYHQAVTATGRLSSTDPNLQNIPIVRNEEGRRIRQ 691
597 AFIAEEGWLLVALDYSQIELRVLAHLSGDNELIRVFQEGRDIHTETASWM 646
692 AFIAPEYVIVSADYSQIELRIMAHLSRDKGLLTAFAGKDIHRATAAEV 741
647 FGVPREAVDPLMRRAAKTINFGVLYGMSAHRLSQELAIPIYEEAQAFIERY 696
742 FGLPLETVTSEQRSSAKAINFGLIYGMSAFGLARQLNIPRKEAQKYMDLY 791

```

1. The first step is to identify the problem. This involves understanding the symptoms and the context in which the problem is occurring.

TO: Global Education TO: ACK: J-800-1-1901-673

[illegible]

\$ TY MOLVBSA.RAN

GAP of: Molvrtpro.Uw check: 5951 from: 1 to: 664

; molvrt.pro = Murine MoLV Rev. Transcriptase nts 2598-4589
; Translated from file MOLV.SEQ on 20-Jun-90 at 01:03 PM
; Edited on 20-Jun-90
; File written by program SEQ on 20-Jun-90 at 01:33 PM

to: Bsaprepro.Uw check: 7462 from: 1 to: 606

; Serum albumin precursor - Bovine
; Alternate names: preproalbumin
; Species: Bos primigenius taurus (cattle)
; Accession: A03232
; MacGillivray, R.T.A., Chung, D.W., and Davie, E.W. -- Eur. J. Biochem.
; 98, 477-485, 1979 (Sequence of residues 1-32 with experimental details)
.....

Symbol comparison table: Gencoredisk:[Gcgcore.Data.Rundata]Nwsgappep.Cmp
CompCheck: 1254

Gap Weight: 3.000 Average Match: 0.540
Length Weight: 0.100 Average Mismatch: -0.396

Quality: 193.9 Length: 699
Ratio: 0.320 Gaps: 17
Percent Similarity: 40.806 Percent Identity: 17.513

Average quality based on 10 randomizations: 180.5 +/- 3.1

Molvrtpro.Uw x Bsaprepro.Uw January 6, 1992 14:08 ..

```
1 .....TLNIEDEHRLHETSKEPDVSLGSTW 25
1 MKWVTFISLLLLFSSAYSRGVFRDTHKSEIAHFKDLGEEHFKGLVLIA 50
26 LSDFFQAWAETGGMGLAVRQAPLIIPLKATSTPVSIIQYPMSEARLGIIK 75
51 FSQYLQ.....QCFDEHVKLVLNELTEFAKTCVADESHAGCE 87
76 PHIQRLLDQGIIVPCQSPWNTPLLPVKKPGTNDYRPVQDLREVNKRVEDI 125
88 KSLHTLFGDE.LCKVASLRETYGDMADCEKEQPERNECFLSHKDDSPDL 136
126 HPTVPNPYNLLSGLPPSHQWYTVLDLKDAFFCLRLHPTSQPLFAFEWRDP 175
137 PKLKPDPTLCLDEFKADKKF.....WGKYLVEIARRHP 170
176 EMGISGQLTWTRLPGGFKNSPTLFDEALHRDLADFRIGHPLILLQYVDD 225
171 YFYAPELLYANKYNGVFQEC.....QAEDKGACLLPKIET 206
226 LLLAATSELDCCQGGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYLGILLKE 275
207 MREKVLTSARQRLRCASIQKFGERALKAWS.VARLSQKFPKAEFVEVTK 255
276 GQRWLTEARKETVMGQPTPKTPRQLREFLGTCRLWIPGFAEMAAPLY 325
256 LVTDLTKVHKECCHGD.....LLECADDRADLAK.YICBBZBTISSKL 297
326 PLTKTGTLFNWGPDDQKAYQEIQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDEKQG 375
298 KECKDPCLLEKSHCTAEVEKDAIPEDLPPLTADFAEDKDVCKNYQEAQDA 347
```

MOLV.T vs E. coli β -galactosidase

GAP of: Molvrtpro.Uw check: 5951 from: 1 to: 664

; molvrt.pro = Murine MoLV Rev. Transcriptase nts 2598-4589
 ; Translated from file MOLV.SEQ on 20-Jun-90 at 01:03 PM
 ; Edited on 20-Jun-90
 ; File written by program SEQ on 20-Jun-90 at 01:33 PM

to: Ecbgalpro.Uw check: 7369 from: 1 to: 1023

; beta-Galactosidase (EC 3.2.1.23) - Escherichia coli
 ; Species: Escherichia coli
 ; Accession: A00898
 ; Kalnins, A., Otto, K., Ruther, U., and Muller-Hill, B. -- EMBO J. 2, 593-597,
 ; 1983
 ; Reference number: A90981
 ; . . .

Symbol comparison table: Gencoredisk:[Gcgcore.Data.Rundata]Nwsgapppep.Cmp
 CompCheck: 1254

Gap Weight: 3.000 Average Match: 0.540
 Length Weight: 0.100 Average Mismatch: -0.396

Quality: 217.5 Length: 1031
 Ratio: 0.328 Gaps: 29
 Percent Similarity: 44.055 Percent Identity: 17.683

Average quality based on 10 randomizations: 213.9 +/- 4.3

Molvrtpro.Uw x Ecbgalpro.Uw January 6, 1992 14:12 ..

```

1 .....TLNIEDEHRLHETSKEPDV.....SLGSTWLSDFPQAWAETGG 38
   .!.: :! !.. :! :! :! :! :! :!
1 TMITDSLAVVLQRRDWENPGVTQLNRLAAHPPFASWRNSE..EARTDRPS 48
39 MGLAVRQAPLIIPKATSTPV..SIKQYPMSEQEARLGKPHIQ.RLLDQG 85
   .! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :!
49 QQLRSLNGEWRFAWFFAPEAVFESWLECDLPEADTVVVP SNWQMHGYDAF 98
86 IL..VPCQSPWNTPLL PVKKPGT.....NDYRF 111
   !. !.. !. !: !: !: !: !: !: !: !: !: !: !: !: !:
99 IYTNVTYPITVNPPFVPTENPTGCYSLTFNVDES WLQEGQTRIIFDGVNS 148
112 VQDLREV NKRVE.DIHPTVPNPNYLLSGLPFSHQWYTVLDLK..... 152
   .! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :!
149 AFHLWCNGRWVGYGQDSRLPSEFDLSAFLRAGENRLAVMVL RWS DGSYLE 198
153 .....DAFFCLRLHFTSQPLFAFEWRD.....PEMGISG 181
   :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :!
199 DQDMWRMSGIFRDVSL LHKPTTQISDFHVATRFND DFSRAVLEAEVQMC G 248
182 QL.TWTRL PQGFKNSPTLFDEA...LHRDLADFRIQHPDLILLQYVDDL L 227
   :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :!
249 ELRDYLRVTVSLWQGETQVAGGTAPFGGEIIDERGGYADRVT LRL..NVE 296
228 LAATSELD CQQGTRALLQTLGNLGYRASAKKAQICQKQVKYL.GYLLKEG 276
   :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :!
297 NPKLWSAEIPNL YRAVVELHTADGT LIEAEACDVGFREVRIENGL LLLNG 346
277 QRWLTEA....RKETVMGQP.TPKTPRQLREFLG TAGFCRLWIPGFAEMA 321
   :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :! :!
347 KPLI TRGVNPHERHPL HGVMDQETMUDTLI MKNNENNAURGCVEN U 385
  
```

```

326 PLTKTGTLEFNWGPDDQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVDERQG 375
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
298 KECKDPCLLEKSHCIAEVEKDAIPEDLPPLTADFAEDKDVCKNYQEAKDA 347
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
376 YAKGVLTKLGPWRRFPVAYLSKKLDFVAAGWFFCLRMVAAIAVLTKDAGK 425
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
348 FLGSFL...YEYSRRHPEYAVSVLLRLAKEYEATLEECCA.....KDDPH 389
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
426 LTMGQPLVILAPHAVEA..LVKQFPDRWLSNARMTHYQALLLDTDRVQFG 473
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
390 ACYTSVFDKLLKHLVDEPQNLIKQNCDDQFEKLGEGFQNALIVRYTR.... 435
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
474 PVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTQPLPDADHTWYT 523
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
436 KVPQVSTPTLVEVS.....RSLGKVGTRCCTKPESERMPCTEDYLSLIL 479
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
524 DGSSLLQEGQRKAGAAVTTETETEWAKALPAGTSAQRAELIALTOALKMA 573
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
480 NRLCVLHE.....KTFVESKVTKCCTESLVNRRFCFSALTP.....D 516
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
574 EGKKLNVYTDSRYAFATAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKA 623
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
517 ETYVPKAFDEKLFTF.....HADIC....TLPDTEKQIKKQATLVELLKH 557
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
624 LFLPKRLSIHCPGH.....QKGHSAEARGNRMADQAARKAAITET... 664
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
558 KPKATEEGLKTVMENFVAFVDKCCAADDKEACFAVEGPKLVVSTQTALA 606

```

\$

Aligning

Gaps: 29
 Quality: 217.5
 Quality Ratio: 0.328
 % Similarity: 44.055
 Length: 1031

Randomized alignment	Quality
1	223.5
2	210.2
3	216.4
4	211.1
5	208.6
6	214.9
7	216.8
8	212.9
9	211.5
10	213.2

Average quality based on 10 randomizations: 213.9 +/- 4.3

277 QRWLTEA....RKETV...TPKTPRQLREFLGTAGFCRLWIPG...EMA 321
 347 KPLLIRGVNRHEHHPLHGQVMDEQTMVQDILLMKQNNFNNAVRC SHYPN:H 395
 322 APLYPLTKTGTLFNWGPDQQKAYQEIKQALLTAPALGLPDLTKPFELFVD 371
 396 PLWYTLCDRYGLYVVDEANIETHGMVPMNRLTDDPRWLPAMSERVTRMVQ 445
 372 EKQGYAKGVLTQKLGFWRRFPVAY...LSKKLDPVAAGWPPCLRMVA.... 414
 446 RDRNHP.SVIIWSLGNESGHGANHDALYRWIKSVDFSRPVQYEGGGADTT 494
 415 AIAVLTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWL..... 452
 495 ATDIICPMYARVDEDDQFPAPVKWSIKKWLSLPGETRPLILCEYAHAMGN 544
 453 SNARMTHYQALLLDTDRVQFGPVVALNPFATLLPLPEEGL..... 491
 545 SLGGFAKYWQAFRQYPRLOGGFVWDVWQSLIKYDENGNPWSAYGGDFGD 594
 492QHNCLDILAEAHGT.RPDLTDQPLPD...ADHTW 521
 595 TPNDROFCMNGLVFADRTPHFALTEAKHQQFFQFRLSGQTIEVTSEYLF 644
 522 YTDGSSLLQ.....EGQRKAGAAVTTE.....TEVIWAKALFAGTSAQR. 560
 645 RHSDNELLHWMVALDGKPLASGEVPLDVAPQKGQLIELPELFQFESAGQL 694
 561AELIALTQALKMAEGKKLVNVTDSR..... 585
 695 WLTVRVVQFNATAWSEAGHISAWQQWRLAENLSVTLPAASHAIPHLTTSE 744
 586 ..YAFATAHIHGEIYRRRGLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSII 633
 745 MDFCIELGNKRWQFNROSGFLS..QMWIGDKKQLLTPLRDQFTRAPLDND 792
 634 HCPGHQKGHSAEARGNR..MADQAARKAAITET..... 664
 793 IGVSEATRDPNAWVERWKAAGHYQAEAAALLOCTADTLADAVLITTAHAW 842

284 RKETVMGQPTPKTPRQLREF.....TAGFCRLW..... 313
 392 LLETLLPRHLQIIYEINQRFLNRVAAAFPGDVRRLRMSLVEEGAVKRIN 441
 314IPGFAEMAAPLYPLTKGTGLFNWGPD..QQKAYQEIQA 350
 442 MAHLCIAGSHAVNGVARIHSEILKKTIFKDFEYELPHKFQNKTNGITPRR 491
 351 LLTAPALGLPDLT.....KPFELFVDEKQGYAKGVLTQKL 385
 492 WLVLCNPGLAETIAERIGEEYISDLQRLKLLSYVDD.EAFIRDVAKVKQ 540
 386 GPWRRFPVAYLS.....KKLDPVAAGWPPCLRMVAAIAV 418
 541 ENKLEKFAAYLEREYKVHINFNSLFDVQVKRIHEYKRQLLNCLHVITLYNR 590
 419 LTKDAGKLTMGQPLVILAPHAVEALVKQPPDRWLSNARMTHYQALLLDTD 468
 591 IKKEPNKFVVPRTVMIGG.....KAAPGYHMAKMIIKLITAI...GD 629
 469 RVQFGPVVALNPATLLPLPEEGLQHNCLDILAEAHGTRPDLTQPLFDAD 518
 630 VVNHDPPVVGDRRLRVI.....FLENYRVSLAEKVIPAADLSEQISTAGT 672
 519 HTWYTDGSSLLQEGQRKAGAAVTTETE.....IWAKALPAGTSA 558
 673 EASGTGNMFKMLNGALTIGTMDGANVEMAEAGEENFFIFGMRVEDVDRL 722
 559 QRAELIALTQALKMAEGKK.LNVYTDSRYAFATAHIHGEI.....YRRR 601
 723 DQRGYNAQEYYDRIPELRQIIIEQLSSGFFSPKQPDLFKDIVNMLMHDRF 772
 602 GLLTSEGKEIKNKDEILALLKALFLPKRLSIIHCPGHQKGHSAE.....A 646
 773 KVFADYEEYVKQDERVSALYKNPREWTRMVIRNIATSGKFSSDRTIAQYA 822
 647 RGNRMADQAARKAAITET... 664
 823 REIWGVEPSRQRLPAPDEKIP 843

\$

Aligning

Gaps: 17

Quality: 609.1

Quality Ratio: 0.732

% Similarity: 62.165

Length: 938

Randomized alignment

Quality

1	283.2
2	272.2
3	277.9
4	275.8
5	280.7
6	279.1
7	282.7
8	268.3